Searching PAJ 페이지 1/2

PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

08-266281 (11)Publication number : (43)Date of publication of application: 15.10.1996

(51)Int.Cl. C12N 15/09 CO7H 21/04 CO7K 14/435 C09J189/00

(21)Application number: 07-075210 (71)Applicant: KAIYO BIO TECHNOL

// C12P 21/02

(22)Date of filing: 31.03.1995 (72)Inventor: INOUE HIROSHIGE

(54) MUSSEL ADHESIVE PROTEIN GENE

(57) Abstract:

PURPOSE: To obtain a new gene coding for a mussel adhesive protein having a specific amino acid sequence and giving a protein useful e.g. for an adhesive exhibiting strong adhesive force, keeping the adhesive strength even in a wet environment and developing strong

adhesive strength even in water. CONSTITUTION: This new mussel adhesive protein gene " CONSTITUTION: This new mussel adhesive protein gene codes for a mussel adhesive protein having the amino acid sequence expressed by the formula or an amino acid sequence the same as the amino acid sequence expressed by the formula and is expected to be useful in the property of the company of the comp a wide application range as a raw material for adhesives developing effective adhesive strength even by starting the bonding work under moist condition or in water. The gene can be produced by extracting an mRNA from the

foot of a mussel by conventional method, preparing a mussel foot cDNA library from the cDNA by conventional method, screening the library by using a part of a Tyrrhenian mussel adhesive protein cDNA as a

probe and recovering the DNA from the clone containing the mussel adhesive protein gene.

LEGAL STATUS

[Date of request for examination]

15.01.2002 24.11.2004

[Date of sending the examiner's decision of

rejection]

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number]

[Date of registration]

um: Seminantskitystiesterkistysterolyklapathistyklatytes And will arrests Protyc Hadrely styl fact yours Alearny righter-

KENKYUSHO:KK

Tyther Penium Platter by his druther years by Lyes Leiser by Penium

Searching PAJ 페이지 2 / 2

[Number of appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of extinction of right]

(19)日本陽特許庁 (JP) (12) 公開特許公報(A) (11)特許出願公開番号

特開平8-266281

(43)公爾日 平成8年(1996)10月15日

(51) (nt.Cl. ⁹	識別配号	庁内證理番号	FI	技術	表示箇所
C 1 2 N 15/09	ZNA	9162-4B	C 1 2 N 15/00	ZNAA	
C 0 7 H 21/04			C 0 7 H 21/04	В	
C 0 7 K 14/435		8517-4H	C 0 7 K 14/435		
C 0 9 J 189/90	JAJ		C 0 9 J 189/00	JAJ	
# C12P 21/02			C 1 2 P 21/02	C	
			密香油汞 未結束	精兼期の数3 〇1 (全	7 (6)

(21)出腺番号 特願平7-75210

(22)出鞭目 平成7年(1995)3月31日 (71)出網人 591001949

株式会社海洋バイオテクノロジー研究所 東京都文京区本郷1丁目28番10号

(72)発明者 井上 広滋

岩手與釜石市平田第3地割75-1 株式会 社海洋パイオテクノロジー研究所参石研究 所内

(74)代理人 弁理士 平木 祐輔 (外1名)

(54) 【発明の名称】 イガイ接着蛋白質遺伝子

(57) 【要約】

の遺伝子を提供する。

【構成】 配列番号1で示されるアミノ酸配列、又は配 列番号1で示されるアミノ酸配列と実質的に同一なアミ ノ酸配列をコードするイガイ接着蛋白質適伝子。 【効果】 接着剤の原料として有用なイガイ接着蛋白質 【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1で示されるアミノ酸配列、又 は配列番号」で示されるアミノ撤配列と実置的に属一な アミノ酸配列をコードするイガイ接着蛋白質遺伝子。

【輸求項2】 DNA配列が配列番号2で示される締念 項1犯載のイガイ接着蛋白質遺伝子。

【請求項3】 ミチルス・コラスカス (Mytilus coruse us) を起源とし、Pro-Lys-(He又はPro)-(Ser又はThr)-Tyr-Pro-Pro-(Thr.XltSer)-Tyr-Lysを含むポリベプチド をコードするイガイ接着蛋白質遺伝子。

【発明の詳細な説明】

[0001]

【産業上の利用分野】本発明は水中や湿潤な環境で使用 できる接着剤の原料となるペプチドを組換えDNA技術 を用いて製造するために用いるDNAに関する。接着筆 白質をコードするDNAを組み込んだ組織え体DNAを 含む微生物や培養細胞を培養液中で培養し、該培養物中 に萎積される核ボリベプチドを採集することにより、得 られる該ペプチドは、接着剤の原料として広い用途で利 用されることが概念される。

[0002]

【従来の技術】乾燥条件下で強い接着力を示す接着網は 様々な種類のものが開発されている。そのうちの多くの ものは---旦乾燥条件下で接着してしまえば湿潤環境にお かれてもその強度を維持できる。しかし、視響な条件下 や水中で接着を開始した場合、有効な物度に達すること ができる接着剤は存在しなかった。

【0003】イガイ類は自己を良好な環境に固定するた めに接着蛋白質を合成して自己を基物に接着させること 主として数十個のAla Lys Pro Ser Tyr-Pro-Pro-Thr Ty r-Lys という10アミノ酸からなる配列の繰り返しにより 構成されており、海水中で硬化して十分な接着機摩に達 することができることが知られている (J.H. Waite, Int. I. Adhesion and Adhesives, 7:9-14, 1987) . ZO1073 ノ粉の配列の繰り返しをコードするDNAを人工的に合 成し、微生物に作らせることにより水中で接着可能な接 着剤を製造する方法がすでに報告されている(特閣平1-104180号分報)。また、一部分が明らかにされている天 んで接着蛋白質を製造する方法も報告されている (D.R. Filpula et al., Biotechnol. Prog., 6:171-177, 1990) . しかし、接着剤の接着強度はより強いことが望ましく、 より強い接着強度を実現するための新たな材料が求めら れていた。

[0004]

【発明が解決しようとする課題】 本発明の目的は、より 接着強度の強いイガイ鎖の接着蛋白質を提供することに ある。

[00051

【課題を解決するための手段】本発明者等は、従来接着 蛋白質療伝子について調べられていなかったイガイ(My tilus coruscus) に着目した。イガイは、従来調べられ てきたムラサキイガイ (Mytilus edulis) やチレニアイ ガイ (Mytitus galloprovincialts) よりも波の能い海 域を好んで生息する種で、接着強度がこれらの種よりよ り強いことが知られている。そして、研究の結果、イガ イの足から抽出したmRNAから作製したcDNAライ プラリーから、接着蛋白質 c DNAを単離することに成 10 功し、本発明を完成した。

【0006】即ち、本発明は、配列番号1で示されるア ミノ酸配列、又は配列番号1で示されるアミノ酸配列と 実質的に同一なアミノ酸配列をコードするイガイ接着蚤 白質遺伝子である。また、本発明は、DNA配列が配列 番号2で示される上記記載のイガイ接着蛋白質遺伝子で

【0007】 更に、本発明は、ミチルス・コラスカス (Mytilus coruscus) を起版とし、Pro-Lys-(I)e又はPr o)~(Ser又はThr)~Tvr~Pro~Pro~(Thr又はSer)~Tvr~Lvsを 20 含むボリペプチドをコードするイガイ接着蛋白質遺伝子 である。以下、本発明を詳細に説明する。本発明のイガ イ接着蛋白質遺伝子は、配列番号1で示されるアミノ酸 配列、又は配列番号1で示されるアミノ鞍配列と実質的 に同一なアミノ酸配列をコードする。ここで、「配列番 母1で示されるアミノ鞍配列と実質的に関一なアミノ鞍 配列:とは、配列器号1で示されるアミノ輸配列の幾つ かのアミノ酸残基について、欠失、微機、付加等の変化 が生じた配列であって、前配配列と同様の接着特性を有 するアミノ酸配列をいう。なお、配列番号1で示される ができる。この接着蛋白質はムラサキイガイにおいては 30 アミノ酸配列の部分アミノ酸配列も「配列番号」で示さ れるアミノ酸配列と実質的に同一なアミノ酸配列:に含 まれることはいうまでもない。

【0008】本発明の遺伝子の塩基配列の一例として は、配列番号2で示される塩基配列を挙げることができ る。本発明の遺伝子の特徴としては、Pro-Lys-(lle又は Pro)-(Ser XliThr)-Tvr-Pro-Pro-(Thr XliTSer)-Tvr-Lvs をコードする塩基配列を繰り返し含むことである。本発 明遺伝子は以下の手鎖で得ることができる。まずイガイ の足をチオシアン酸グアニジン等により可変化し、 フェ 然のムラサキイガイ接着場合質の配列を微生物に組み込 40 ノールノクロロホルムによる輸出を行たい、イソプロバ ノールにより沈毅させることにより全RNAを得ること ができる。全RNAを得る方法はこの方法に限定される ものではなく、LICI沈殿法や塩化セシウム溶液に重 觸して遊心することによっても得られる。全RNAか ら、オリゴd T セルロースカラムを用いてポリアデニル 酸鎖を有するRNA (ポリA-RNA) を蒸裂する。こ のボリA-RNAを鋳型として逆転写酵素を用いて2本 鎖DNAを調製する。この2本鎖DNAの合成はS1ヌ クレアーゼ法やオカヤマーバーグ法により行ない得る 50 が、市販のcDNA合成キットを用いて合成することも

可能である。次いで、得られたcDNAを適当なベクタ ーに挿入し、このベクターを適当な宿主に導入して増幅 させるとともに目的のDNAを持つクローンを選択す る。ベクターは入ファージ由来の各種ベクター、例えば λgi10やλZAPII など、あるいはpBR392等のプラスミド ベクターを用いることができる。目的クローンの選択に は繰り返し配列の一部に相当するオリゴヌクレオチドを 合成してプローブとして用い、これに強く結合するクロ 一ンを選択すればよい。配列の決定はサンガー法やマキ る。以上の手順により接着蛋白質 c DNAを単離するこ とができる。

【0009】この紀列は、イガイ接着蛋白質の成熟ポリ ベプチド領域全長をコードする領域を有しているため、 適当を発現ペクターに挿入し、激生物や培養細胞に導入 して発現させることにより、当該ペプチドを大量調整す ることが可能である。以下、実施例を用いて本発明を更 に詳細に説明する。但し、本発明の技術的総囲は、これ らの実施例に限定されるものではない。

[0 0 1 0]

[密施例]

(実施例1) イガイ足cDNAライブラリーの作製 北海道戸井町の海岸で採集した器長4~5cmのイガイ10 鰡体の足よりCiontech社のTotal RNA Separator Kit を 用いて添付のプロトコールに従って全RNAを抽出し、 オリゴイTセルロースカラムに選弾してポリアデニル酸 鎖を有するRNA (ポリA-RNA) を調整した。この 操作により約2 u g のポリA-RNAが得られた。次に このポリA-RNAを綺型としてStratagene社のUni-ZA P XR cloning kitを用いて添付のプロトコールに従い、 cDNAライブラリーを作製した。

【0011】 (実施例2) 接着蛋白質c DNAを含む 組換えファージの選択

実施例1で得られたcDNAライブラリーを増幅させ、 得られた2000艇のプラークをナイロンメンブレン ハイ ボンドN上に固定した。次いでランダムプライマーDN A標識キット(奢福造社製)を用いて[**P]dCTP により 標識したチレニアイガイ (M. gallocrovincialis) 接着 網音響 c D N A (K. Inone and S. Odo, Biological Bulle tin 186,349-355,1994) の全長をプロープとして用い 40 トポロジー:不駅 て、プラークハイブリダイゼーションを行なった結果、 50個以上のプラークがプローブと結合した。これらのう ち10帳のプラークを任益に選び、挿入されているcDN Aの長さをアガロース電気泳動により調べて、最も長い 挿入断片を持つものについてSOLR/ExAssist System (St

ratageme計)を用いて挿入断片をプラスミドベクターpB luescriptSK(+)にサブクローニングした。このプラスミ ドベクターをB.coli Mcfpl-53 に導入した。B.coli Mcf p1-53 は、工業技術院生命工学工業技術研究所に審託器 号FERM P-14865として寄託されている(寄託日: 平成? 年3月27日)。

【0012】 (実施例3) 接着蛋白質遺伝子の配列決

実施例2で得られた挿入断片の両端の配列をアプライド サムーギルバート法等の一般的な方法によって決定でき 10 パイオシステムズ社製373ADNA シーケンサー及びPRISM Dye Terminator cycle sequencing Kit を用いて配列を 決定した。その結果、この挿入断片が接着蛋白質の成熟 ペプチド領域の全長を含む配列であることが判明した。 さらに、實護過社製キロシーケンスキットを用いて、核 着蛋白質配列の一部分を欠失させた一連のプラスミドを 作出し、アプライドバイオシステムズ社類373ADNA シー ケンサー及びPRISM Dve Terminator cycle segmencing KII を用いて全長の配列を決定した。その結果、得られ た接着蛋白質療伝子は図1及び図2に示した通り、成熟 20 ベプチドのアミノ未端からカルボキシル未端まで848 ア ミノ糖の配列及び終止コドンをコードする全長2547hpの 配列を含んでいた。848 アミノ酸のうち上流から101 残 基が非繰り返し領域であり、その下流に接着の機能を持 "DPro-Lys-Pro またはHe-Ser またはThr-Tyr-Pro-Pro-Thr またはSer-Lvs という10アミノ酸の基本配列とその 若干の変異配列を合わせて72階含む幾り返し鋸紋であっ た。また下流側の非翻訳領域にはポリアデニル酸類付加 シグナルAATAAAが存在し、そのさらに下流にポリアデニ ル酸鎖が存在した。

[0013]

【発明の効果】本発明は、イガイ接着蛋白質遺伝子を提 供する。本発明の遺伝子から作られる蛋白質は、他のイ ガイ類の接着蛋白質よりも接着絵座が強く、接着剤の原 料として有用である。

[0014] [配列表] 配列番号 1

配列の長さ:848

配剤の期 : アミノ総

配列の種類:タンパク質 紀瀬

生物名 : Mytilus coruscus

配列

5

AsmIleHisAsmValfyrGlySerAlaTyrSerClvAlaSerAlaClvAlaTyrLys-ThrLeuProGlySerHisProTyrGlySerLysHisValProValTyrLysProMet-AshlyslieProThr?roTyrlieSerLysLysSerTyr?roAlaProTyrLysPro-LysGlyTyrTyrProThrLysArgTyrGlnProThrTyrGlySerLysThrAsnTyr-ProProIleTyriys?rolleAlaiysiysieuSerSerTyriysAlaIleiysThr-ThrTyrProAlaTyrLysAleLysThrSerTyrProProSerTyrLysHisLysIle. ThriyrProProThrTyrlysProLysTieThrTyrProProThrTyrLysGinLys-ProSerTyrProProSerTyrLysProLysThrThrTyrProProThrTyrLysPro-LyslieThrTv:ProProThrTv:LysArqLysProSm:TvrThrProTyrLysPro-LysAlaThrTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLys-ArglysProSerTyrThrProTyrLysProLysThrThrTyrProProThrTyrLys-ProbysIleSerTyrProSerIleTyrLysProbysAlaSerTyrValSerSerTyr-LysSerLysLyaThrTyrProProThrTysLysProLysIleSerTyrProProThr-TyrkysProkysProSerTyrProProThrTyrkysProkysValThrTyrProPro-ThrTyrLysProLysProSerTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrPro-ProThrTyrLysProLysProSerTyrProThmProTyrLysGlnLysProSerTyr-ProProIleTyrLysSerLysSerSerTyrProThrSerTyrLysSerLysLysThr-TyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProlysPro-SerTyrProProSerTyrLysProLysLysThrTyrSerFroThrTyrLysFroLys-LieThrTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrFroProSerTyrLysPro-LysThrThrTyrProProThrTyrLysProLyslleSerTyrProProThrTyrLys-ProLysAlaSerTyrValSerSerTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyr-LysProLysIlaSerTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProProThr-TyrlysProlysfleThrTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProPro-ThriveLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysAigLysProSerTyrPro-ThtProTyrLysCinLysFroSerTytFtoProTleTysLysSerLysSerSerTyr-ProThr:SerTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyrLysProLysIleThr-

(4)

TyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrProProSerTyrLysProLysThr-ThrTyrProProThrTyrLysProLysIlsArgTyrProProThrTyrLysProLys-AlaSerTyrProProThrTyrLysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysPro-LysProSexTyrProThrProTyrLysGinLysProSerTyrProProlleTyrLys-SerLysSerSerTyrProThrAlaTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyr-LysProLysIleThrTyrFroProThrTyrLysProLysProSerTyrFroProSer-TyrArgFroLysIleThrTyrProFroThrTyrLysProLysLysSerTyrProGln-AlatyrLysSerLysGiySertyrProProSerTyrGinProLysLysThrTyrPro-ProSerTyrLysProLysLysThrTyrProProThrTyrLysProLysileSerTyr-ProProThrTyrLysThrLysProSerTyrProAlaSerTyrLysArgLysThrSer-TyrProProThrTyrLysProLysTleSerTyrProSerThrTyrLysAlaLys2ro-SarTvrProProThrTvrLvsProLvsProSecTvrAlaSecSecTvrLvsProLvslieargTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyrLysPro-LysileArgTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyrLys-ProLysicArgTyrProProThrTyrLysProLysProSerTyrAlaSerSerTyr-LysProLysIleThrTyrProProThrTyrLysProLysIleSerTyrProProThr-Tyrtys@colysileThrTyr@roFroThrTyrtys@roLysileSerTyrProPro-AlaTyrtysProLysTleSerTyrProSerGinTyr

【0015】配列番号 2 配列の長さ:2547 配列の型 :核酸

: 2 本鎖

鎖の数

トポロジー: 直鎖状 配列の種類: mRMA io cDNA 起源

50 生物名 : Myillus coruscus

AACAFACACAACGTATATGGCTCAGCTTATTCAGGTGCAAGCGCTGCXCCTTACAAG~ ACATTROCCGGTTCACATCCATACGGATCAAAGCATGTACCAGTATATAAACCTATG~ AATRAGATICCAACACCATATATATCCAAGAAAGTTATCCGGCACCATATAAACCG-AAGGCTATTATCCTACGARACGTTATCAGCCAACATATGGATCAAAGACAAACTAT-CONCEASTATATAAGCCAACTECAAAGAAGCTATCATCATACAAAGCTATTAAGACA-ACCTATOCGGCCTATAAAGCAAAACAAGTTATCCACCAAGTTATAAACATAAGATA-ACITATCCTCCAACATATAAACCTAAGATTACTTATCCTCCAACATATAAACAAAAG-- TOPAGETATCCACCATCATATAAACCTAAAACTACTATCCCCCAACATATAAACCT -TODARATATORCACCAACATATAAACGAAAGCCAACTTATACACCATATAAACCT-AAAGCTACTTATCCTCCAACATATAAGCCGAAGATAACTTATCCACCAACATATAAA-CUARAGCCAAGTTACACACCATATAAACCTAAAACTACTTATCCTCCAACATATAAA-CCGAAGATAAGTTATCCTTCAATATATAAACCAAAAGCAAGTTATGTGTCATCATAT-AAATCTAAGAAAACTTATCCTCCAACTTATAAACCTAAGATAAGTTACCCTCCAACA-TATAAACCAAAGCCAAGTTATCCTCCAACATATAAACCTAAGGTAACTTATCCTCCA-ACATATAAACCAAAGCUAAGTTATCCTCCAACATATAAACCTAAGRTAACTTATCCT-CCAACATATAAACCAAAACCAAGTTATCCAACACCTTATAAACAGAACCCAAGTTAT-OUTCCAATATATAAATCCAAGTCTAGTTATCCCACTTCATATAAATCTAAGAAAACT+ TATTCRCCAACATATAAACCTAAAATAACTTATCCACCAACATATAAACCAAAGCCA-AGTTATCCACCATCATATAAACCTAAGAAAACTTATTCTCCAACATATAAACCTAAG-ATAACTTATCCACCAACATATAAACCAAAGCCAAGTTATCCACCATCATATAAACCT-AARACTACTTATCCTCCAACATATAAACCTAAGATAAGTTATCCTCCCAACATATAAA-CCAAAAGCAAGTTATGTGTCATCATRTAAATCTAAGAAAACTTATGCTCCAACTTAT~ AAACCTAAGATAAGTTACCCTCCAACATATAAACCAAAGCCAAGTTATCCTCCAACA-TATAAACCTAAGATAACTTATCCTCCAACATATAAACCAAAGCCAAGTTATCCTCCA-ACATATAAACCTAAGATAACTTATCCTCCAACATATAAACGAAAACCAAGTTATCCA-ACACCTTATAAACAGAAGCCAAGTTATCCTCCAATATATAAATCTAACTCTAGTTAT-CCCACTTCATATAAATCTAAGAAAACTTATCCTCCAACATATAAACCTAAAATAACT-TACCCACCAACATATAAACCAAAGCCAAGTTATCCACCATCATATAAACCTAAGACT-ACTTATCCTCCAACTTATAAACCTAAGATACGTTATCCTCCAACATATAAACCAAAG-OCANGTTATCCTCCAACATATAAACCTAAGATAACTTATCCTCCAACATATAAACCA-AAACCAAGTTATCCAACACCTTATAAACAGAAGCCAAGTTATCCTCCCAATATATAAA-TCCAAGTCTAGTTATCCCACTGCATATAAATCTAAGAAAACTTATCCTCCAACATAT~ AAACCTAAAATAACTTATCCACCAACATATAAACCAAAGCCAAGTTATGCACCATCA-TATAGACCTAAGATTACCTATCCTCCAACCTATAAACCTAAGAAAACTTATCCCCAA-GCATACAAATCTAAGGGAAGTTATCCCCCTTCTTATCAACCCRAGAAAACCTATCCC-CCATCUTATAAACCTAAGAAAACTTNFCCTCCAACATATAAACCCAAGATAAGTTAT-CCACCAACSTATAAAACAASCCAAGTTATCCAGCATCTTATAAACCTAAGACAAGT-TATUCTURACATATARACUTARGATAAGTTATCCTTCAACTTATAAACCAAAGCCA-AGPTA FCCACCAACGTATAAGCCAAAACCAAGTTATGCGTCATCATATAAACCTAAG-ATAUGCTATCCACCAACGTATAAACCAAACCAAGTTATGCCCCTCATCATATAAACCT-AAGATACGCTATCCACCAACGTATAAACCAAAACCAAGTTATUCGTCATCATATAAA~ CCTAAGATACGCTATCCACCAACGTWTAAACCAAAACCAAGTTATGCGTCATCSTAT~ AAACCTAAGATAACTTATCCTCCAACTTATAAACCTAAGATAAGTTATCCGCCTACA-TATAAACCGAAAATAACTTACCCTCCTACATATAAACCAAAGATCAGCTATCCTCCA-GCATATAAGGCAAAGATTAGCTATCCATCACAATATTAAAAGTAATAACATAAATAT~ ACACATEACTGCACTTTACATATTTCTTACGTTTTTTTTTGATGTGGAACAGCTTAAG-ATGTAAAAGTAATGTTTAACCGGTTAAGGATTTCTAATATTCAATCTTTATGTTTGT STPTTGCTFATGTTCTTCAAGTATTCTTTAAAATAAACATTTCTTCTCTTAAAAAAA-

[図面の簡単な説明] [図1] 本発明のイガイ接着蛋白資遺伝子の塩基配列を 示す図である。 【図2】本発明のイガイ接着蛋白質遺伝子の塩基配列を 示す図である。

[18] 1]

THE SAFETY TO DARK THAT SAFETY STORE STANDARD ST 21/AlaSerAlaGlyAlaTyrfouThrlandroTlySerHicRroTlySerHicRroTlySerLyshisvalProvalTyrfusProvatAsplysTle 199 200 210 220 210 240 250 250 270 CHARGECHATATHYCAMAGACTTTAPCAGCCAACATATHACCGAAAGGCTATTHTCTTACGAAACCTTTAPCAGCCAACATATHACCGAAAGGCTATTHTCTTACGAAACCTTTAPCAGCCAACATATGGA Profitor Darlissarias Lander Darling 1 agrangement and the Control of the Control 330 TO A A A CONTROL OF A TRATECT OF A TRATECT AND THE CONTROL AND Early other and year of a furious ration is a large of the forest of the forest of the forest of the contract 100 610 420 Aladystic Sertyr 8 to Profest young the theoly theoly theoly theoly slight of the Type Profest New York theoly the Company of 500 UlabysProSerTyrProProSerTyrLysProbysThrthrtyrFroProThrtyrLysProJysIlaThrTyrFroProThrtyxLys 980 590 **#50** COMANDELYADITEXTACACCATATAAACCTAAACCTAATCTCTCCACCA TATAACCCGAAGATAACTTATCCACCAACATATAAACCA Arguya@roberDyrThr@roTyrLyx@robymAleThrTyrFroFroThrTyrLyx@robysfieThrTyrPro&roThrTyrLymArg *** NACIONA OPPRODUCA TA TRABOCTANA ACCENCITA TO OPTO DE RELACIA CA TAROCTANA TO OPTO ACTATA TRABOCA ANA LysProSerTyrThr?roTyrLysFroLysThrThrTyrProProThrTyrLysProLysItsSerTyrProSerIleTyrLysProLys AlabarTyrValBarBarTyrig#SarLysLysThrTyrFroFroThrTyrLysFroLysLisSerTyrFroFroFroThrTyrLysFroLys 346 250 860 870 OAAT COAAAT ET KOAACET ET KITTOAKED DOAKENDOAKET KOAACCTOCTATTOAKTTOAKET TOAKET TAATACHAETEN KATOTENTERKEDD. ProgerTysProductheTysLysProLysValtheTysProProfitsTysLysProLysProferTysProductheTysLysPrody 350 ATRACTTATUCTOTAACATATAAAGGAAAAGTAAGTFAYGDAACAGGUTTATAAAGGAAGGCAAGTTATOTTCTAATATATAATGGAAG TlaThaTyrFroRroThrTyrLyr6roLyr6roSerTyrProThr9roTyrLyrGinLyr6roSecTyrProProLidTyrLyr6erLyr SecSecTyrtroTheSecTyriyaSecLyriyaThrTyrtroProThrTyriyafroLyatieThrTyrtroProThrTyrtyafroLya 1120 1110 1140 1166 3330 1144 1200 :215 1243 1740 Local Color 1310 1290 1,000 1,129 GCAAGTTATUTUTCATCATCATCAAAACTAAGAAAACTTATCCTCCAACTTATAAACCTTAAGATAAGTTACCCTCCAACATATAAACTAAACTAAAC AleSerTyrValSerSerTyrLysSerLysLysThrTyrProProThrTyrLysProLysFleSerTyrProProThrTyrLysProLys 1390 1400 1416 Prosecty of confrontially algority all etherly relocation by the confrontial prosection of the confrontial prosections and the confrontial prosections are confrontial prosections.

製体で示したアミノ酸はシグナル配列を示す 下機で示したアミノ酸は非義り返し領域を示す

[版2]

1349	1550	1260	1570	1580	1590	1500	1613	1620
TOTAGTTATCCCA	CTTCATATAA	VICTAAGAAA	ACTTATECTE	CAACATATAA	ATAKKATOON	ACTTACCCAC	Caacatataa	ACCAVAG
SerserTyrProf	urzerilach:	sgar@yafka	Thrtyreras	LORDELA LES	**************************************	TheTyrProP	roThrTyrLy	zProLys
1630	1640	3.683	1660	1673	1680	1590	1.760	1710
CCRACTIATCOAC								
ProSerTystrof								
	,,		,			,.,		ar acoug a
1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780	2790	1806
CCANGTTATCCTC	CAACATATAA	ACCTAAGATA	ACTTATOCTO	Carcatatra	ACCARRACCA	ACTENTOCAN	CACCTTRTAA	ACAGAAG
Al adertyreros	TOTAL TYPLY	ProLystie	The Tyrecos	TOTAL TYLLY	aProLyaPro	SerTyrProT	hrerotypty	sGlnLys
1616	1820	1830	1840	1630	1860	1870	1550	1890
CCYMMIATICAL								
Scopentlaters;	eorre: Atth	aner-Auner.	Serlyrrro:	DEVTALABLE	ASSALTASTAS	DHT.CARACON	ROZULLÁKTÁ	eFrailys
1900	1910	1920	1910	1940	1350	1980	1970	1980
ATAACTTATCCAC								
Tlethrfyrrros								
1990	2000	1019	2020	2030	2949	2053	2960	2070
AAAAGTTATCCCC	CARGCATACAA	ATCTARGOOK	ACTTATOCCC	CTTCTTATCE	LACCCAAGAAA	ACCTATOOSC	CATCOTATAA	ACCTAAG
Lymbertyrfrot	yizyTelAni;	aSerLysG1,	Sertyspeop	nadestyrii	introlyslys	TRETYPPEOP	rosertyrky	strokys
2080	2090	2100	2110	2120	2130	2140	2130	2740
AAAACTTATCCTY								
The Lyndia Color	SOLUELÄETÄ	asiorAsire	Ret.: Atstos	asenantary	hacurehas se	SetuAt640v	1924SLLASTA	avtörla
2176	2180	2196	2230	2210	2225	2230	2240	2250
ACAMETTATOOT								
TheSw: TyrPro:								
					,,			
2260	2270	2230	2290	2266	2313	3330	23.70	2.140
CCAAGTTATOCG								
ProSectyrAle:	SexSextyrty	w9rolys%le	exadilates	estartyri;	ya du aliya du a	Salkayyang.	ersertyrty	abane'sa
					2400		2425	2430
ATACGCTATOCA	2360	2370	2389	1390		2410		
tleArgtyr7re								
Crate & CATATA	rivensijees	3813050670	1001+1111	ane and a character	y = + 1 0 my + 1 1 1	oug.y.r.u		******
2440	7480	2450	3470	2480	2493	2560	2510	2529
Attacompositions.	CCATCATATAA	ACCTAACATS	ACTTATOOT		AACCCCAAGACC	AGTTATCCS!	CTACATATA	ACCORAR
Prosectionia	sersartyrty	errotystle	erneryzeren:	erotheryth	ysprolysiid	Secryreros		
PEOSECT/CSTS		-	-	-				
Prosectycala 2000	2540	2556	2569	2910	3580	2530	2600	2610
PKSSectyckia 2536 ATAACTCACCCT	2540 COTACATATAA	2555 ADDRAAGATO	2560 CAGCTATCCT	2910 ECAGEATATA	.3589 MINEKARODO	2530 PAGCTATOCAT	2600 CACAATATTS	2610 AATGAAA
Prosectycala 2000	2540 COTACATATAA	2555 ADDRAAGATO	2560 CAGCTATCCT	2910 ECAGEATATA	.3589 MINEKARODO	2530 PAGCTATOCAT	2600 CACAATATTS	2610 AATGAAA
Prosectyckia 2000 ATAACTCACCOT EleThrTyrPro	2540 COTACATATAA ProThrTyrLy	PCCS TADAAACAN MIRYJURGE	CYCCLYLCCL CYCCLYLCCL 3243	2910 ECAGEATATA PEOALATYEU	3589 AGCCAAAGAT YSPTGLYSII	2530 PAGCTATOCAT	2600 CACAATATTS SecCinTyr*	3610 (AA)(07AA
Prosectycaia ATAACTTACCOT Elefhrtyrfro 2335	2540 COTACATATAA ProThrTysky 2630	255% IADDAAAGAT TSPEOLYSIL	2650 2650 2540 2560 2560	29:0 CCAGCATATA ProAlaTycu 2660	3589 AGCCAAAGAT ysProLysiid 2670	2530 PAGCTATOCAT SECTYTPIOS 2680	2600 FCACAATATTS SAEGINTYET!	2615 122207722 2790
Prosectyckia 2000 ATAACTCACCOT EleThrTyrPro	2540 COTACATATAA ProThrTysky 2630	255% IADDAAAGAT TSPEOLYSIL	2650 2650 2540 2560 2560	29:0 CCAGCATATA ProAlaTycu 2660	3589 AGCCAAAGAT ysProLysiid 2670	2530 PAGCTATOCAT SECTYTPIOS 2680	2600 FCACAATATTS SAEGINTYET!	2615 122207722 2790
Prosectycaia ATAACTTACCOT Elefhrtyrfro 2335	2540 COTACATATAA ProThrTysky 2630	255% IADDAAAGAT TSPEOLYSIL	2650 2650 2540 2560 2560	29:0 CCAGCATATA ProAlaTycu 2660	3589 AGCCAAAGAT ysProLysiid 2670	2530 PAGCTATOCAT SECTYTPIOS 2680	2600 FCACAATATTS SAEGINTYET!	2615 122207722 2790

アスタリクスは終止コドンを示す

下級で示した塩基はポリA付加シグナルを示す